



Table1: Nucleotide Sequence of Enod2a Genomic Clone

GGATCCTTACACAGGCCAGACATCCCCAAGTTCTCA <u>BamHI</u>	36
AATAAGACAAATTGGTTGTTCTTTCTTAATATTCACAGGGAGATGTTCTGTCTTG	96
ATTTGGGGATTCATTTAGCACATAACAAACAGTTAACAAAATTGCCCCACCAAAAAG	156
ATGTTGCACTAGAACTCAACATAGTAGCTACAACTAATTCTGAAAAGTTCTGTTCTTC	216
TTTCAGCTTACCGTTCATTCAGGTGAATATGGAGCAGTTGTTCATGTATGATTCCAT	276
GCAAATTATAAAACTCATTAAACAAACTGGAATCATACTCTGTGCCTCTATCACTTCGAA	336
GTTCCTTAATTCTTATTGAATTGATTTCATTTCTGTTACAAATAACTAAACATGT	396
CAAGCGCTTCACTTTATTTTCATAAGATATACATATATATAATCAGAGCAGTCATC	456
AATAAAAGTATAAAATATCGTTTCCATTCTGGTCAACGTTCCATCAAATTACATAT	516
ATCAGAATGTATTAAATCCAATGGCTCAGATTCTTAACTACTGATTGATTGATTGATT	576
AGTTATTTAGATTGACTGCAAAAAACACACTTTCAAAGTGATTGAAGATAGCTTGG	636
AATAAAACCTAAGTTACTCATATTAGATATGCAACGACTATTATATGACAAAGTCTAGA	696
ATGCCAGAATTAAATCACACAGCATGTAAGCAGAAGGAGAACTTTATTAATATCAAGA	756
TTCAATTGAACATGCCATCAGTGGCGTACCCCTTCCCTACAAATACCCATTCTGGTC	816
AAAGTAAATAATCTGCACCTATGGTCTGAGTAACCCAGCCTGTTAAAAGAAAACCA	876
GAAACCAGATTCTTCTCATCTCTGGAGTATGCATCACATTTGAGAATCAAAGTCTT	936
CCAGAGGTAAACTCAGTTAACATCTCCAGTTCTAGAACAGTAGTGGTGTGGAAATCA	996

FIG. 2A

CCCAACAACACTTCTTATTTCAACATCGTGTATGTTAACATAGCATGATCTTA	1056
<u>Sau3A</u>	
TA CTT GTATTTTTTTGTTTAGTTCTATACTTAAAATCTGTTTATTATTTTA	1116
CGCCTTAGTTCTAGCAATCTAAA ACTGATATAAAAGAAGTATAACGACTAAACAT	1176
AAAAAAAAAAAATTGTATAAAAAATAAAGCATATAGCTTCATTCA TATAAGAACTAA	1236
ACTGAAATACCACTGTAAGTATAAGAACTAATCGATAAATTAAGCCAAATTAAGGGTACA	1296
TATTATTTAAGAAAATTAGGCCGGTATATATTAAAGGACTATACACTATGTG	1356
ACGATAGAAATAATAGGTATGTAGATGTATGTTAAGTATTTCTAATGTGTTTTACTT	1416
TCTCTATCACACTGTTATTTCT <u>CACT</u> ATTTTTCTCTGTTCTGTTATTTCAC	1476
TCTAAA <u>ACTGGAG</u> <u>TAAT</u> ATGTTATGACTACAACACATTTGACATGACTTAGGATTAAC	1536
<u>Hind3</u>	
ATATATTATGATAAAATAACTAAAGATTGATAACCTTGATAGAAAAGCTCTCATGTCTC	1596
TS ± 20	
CTCTCCCTATAAGTAGTTCCCATTGTTATCACTTTCATCAGCACAGCTAACAGATGA	1656
ORF1 M	
CTTCTGACTACACTCACTCCTGCTGCTCCTGCTGGAGGGT GATTCTCACCACTC	1716
T S V L H Y S L L L L L G V V I L T T	
CAGTGCTAGCTAATTGAGGCCACGCTTCTTCTATGAGCCTCCTCCAATTGAGAAACCC	1776
P V L A N L K P R F F Y E P P P I E K P	
OFR2 M S L L Q L R N P	
CCACCTATGAACCTCCACCATT TATAAGCCCCCATACTACCCACCAGTCACCACC	1836
P T Y E P P F Y K P P Y Y P P P V H H	
P P M N L H H F I S P H T T H H Q C T T	
CTCCACCAGAGTACCAACCACCCATGAAAAAACACCACCTGAGTATCTACCTCCTCCTC	1896
P P P E Y Q P P H E K T P P E Y L P P P	
L H Q S T N H P M K K H H L S I Y L L L	
ATGAGAAACCACCA CAGAATACCTACCTCCTCATGAGAAACGCCACCA CAGAAC	1956
H E K P P P E Y L P P H E K P P P E Y Q	
M R N H H Q N T Y L L M R N R H Q N T N	

FIG. 2B

CTCCTCATGAGAAACCACCCATGAGAATCCACCAACCGGAGCACCAACCACCTCATGAGA	2016
P P H E K P P H E N P P P E H Q P P H E	
L L M R N H P M R I H H R S T N H L M R	
AGCCACCAAGAGCACCAACCACCTCATGAGAAGCCACCAACAGAGTATGAACCACCTCATG	2076
K P P E H Q P P H E K P P P E Y E P P H	
S H Q S T N H L M R S H H Q S M N H L M	
AGAAACCACCAACCAAGAATACCAACCACCTCATGAGAAGCCACCAACAGAATACCAACCAC	2136
E K P P P E Y Q P P H E K P P P E Y Q P	
R N H H Q N T N H L M R S H H Q N T N H	
CTCATGAGAAACCACCAACCAAGAATACCAACCACCTCATGAGAAGCCACCAACAGAGCACC	2196
P H E K P P P E Y Q P P H E K P P P E H	
L M R N H H Q N T N H L M R S H H Q S T	
AACCACCTCATGAGAAGCCACCAAGAGCACGCCACCTCATGAGAAGCCACCAACAGAGT	2256
Q P P H E K P P E H Q P P H E K P P P E	
N H L M R S H Q S T S H L M R S H H Q S	
ATCAACCACCTCATGAGAAACCACCAACCAAGAATACCAACCTCCTCAAGAAAAGCCACCA	2316
Y Q P P H E K P P P E Y Q P P Q E K P P	
I N H L M R N H H Q N T N L L K K S H H	
ATGAAAAACCACGCCAGAATACCAACCTCCTCATGAAAAGCCACCAACAGAACACCAAC	2376
H E K P P P E Y Q P P H E K P P P E H Q	
M K N H R Q N T N L L M K S H H Q N T N	
CTCCCCATGAAAAGCCACCAACAGTGTACCCACCCCTTATGAGAAACCACCAACAGTGT	2436
P P H E K P P P V Y P P P Y E K P P P V	
L P M K S H H Q C T H P L M R N H H Q C	
ATGAACCCCTTATGAGAAGCCACCCCTAGTAGTGTATCCACCTCCTCATGAGAAACCAC	2496
Y E P P Y E K P P P V V Y P P P H E K P	
M N P L M R S H P Q * (SEQ ID NO:3)	
CCATTTATGCCACCGCCATTGGAGAAGCCACCGGTCTACAATCCCCCACCTTATGGCC	2556
P I Y E P P P L E K P P V Y N P P P Y G	
GCTATCCACCATCCAAGAAAAACTAATAACCACCTGCCTGCGTCACATGTTGGTCTAC	2616
R Y P P S K K N * (SEQ ID NO:2)	
TCAAACCTAGACCTGCCCTTGTCAATAAGCTTCTGTTAAGATCTCAAGT	2676
<u>Hind3</u>	
ACAATATGTCCCTCTGCATGCACTACTTCTCAAAATAAAGGCTTATGCCTATGTATA	2736
ATACTCTACTTAATTCTCCTTCACCATCGATATTGTAATGTCAACTACTAGTGTGGGT	2796
TTATCTATGGCTATAATAAGTTTCTTGTGTTACTTATGAGTCTTGTGTTAATTG	2856

FIG. 2C

CATGCTAAAAATTGGCAAAACATATATAATTCTGTTCGTACATGTTTATTTATGAAC 2916
TTCATAAGTACCGGTAAAGCAATGATAATGTGTAAGTTGCTGGTCTATATATATGTT 2976
AAATACACATATCTCTAAACCGTCAATGAGAAACTCTGTACCTGTTATTCAACTT 3036
GGAAAAACTAAACCACATAATAAAC (SEQ ID NO:1) 3060

FIG. 2D

Table 2: Nucleotide Sequence of Enod2b Genomic Clone

AAGCTTGACAAAAGATAAAATGCTTGTTGGGTGGCGTAGCGTCTTATGCAGCAATGGTT	60
<u>Hind3</u>	
TATGTAATTATGTAATGGGGTGGTCACTCCTAGTGACTGTCCTCTGTGTTATGATTAAT	120
GAAATGTTTGTCTTTGAAAGAACAAAAATCCTAACGTTACCCCATTTGTAATA	180
GTCTCTTACATTGAATTGGGGTGAATTATTAAAGAACAAATCTCAACTACTTATT	240
TTAAATTCAATCATTATTAGTTAATTAAATCACTTTCTAAATATTAAATA	300
TAATAAAACTCTCTAAAAACATAATAAAATTAAACTAAAATAAAATTATTTT	360
ATTGGTATTTATTTGTTTTTTCTAAATTCAATTCTTTACTTATGTTAA	420
TAGACAAAAACTGATTGTAACNNNNNCATGTATAGAAAATTCCTTAACCTATA	480
AAAAACTATCATTAAATATTAAAGATAATTATTAAACAAACTTATTAA	540
TAATATATGATTCAATAATAATATAAAATCTTGCATCTAACATAAAATTATAATA	600
TTACAATTTTCCTTAAATCAATTTCATTTACATTAAACAAATTAAATTCAATATCC	660
GACTATTGCTGCGCATGATAGGCTCTAAAGACCATCCCATTCACATATTAAATATCTT	720
TCAACGTTAATCTGTGTTCTGTTAGATTCAAAGATTCCAGTGAATAGTGTGGCTAAGA	780
ACAGTTTCTTGACCTTTCGCTAACAAAGCAAGCCTACCTATACAAGCTCCAATTATT	840
TTTTGAGGATTGCTCCATTATTNNCCGACAAACATACATGCATCTAAATGTGGCAGC	900
ATGCTAAAGTTGGTGAGGCTATAGTAAATATGAAATAAGATTGAAGTTTCAGCCC	960
AATATAAAAAAAAAATTAAATTCTCTGAAATGAAAAGAGTACAAAGAAGATATAATCA	1020

FIG. 3A

GTAAAATCTTTTCATAAGCATTGATCTGGATACATCAACTTGATGCCTGGAAACT	1080
GTGCTCAAGTTGACAGCAATTCTGGAATTTTCGCCACAACAGAAGCTCCAGACGAT	1140
TATGATTATGACCTTATATGATGTTAGTACGTGAAAGTAATTAGAATCGCATTGCTA	1200
ACTATTAGCAATTTTTTTAAGCTAATGCAAGTGACAGAATCTTAGGTCTCTATAAT	1260
TTGAAACCTGTGGCGGTGGAACTCGTACTTCATGTGCTGAAAAGAACTTGATATTTTA	1320
AGGGAAATAATATATATCAATGCTCCTAACGTCTAAACTTATCTTCTTGGCAGCTAA	1380
TTTACTTTAAAAAGAAATAAGATTAAATAACTTTCTTACAAGAAAATATATTAATTA	1440
TTAATTGTTAAGTTAACGTCTTTATACATTATTTAAATTCCAGTCATCTT	1500
TTAACATAATTCCAATCATTATTAGTTTACTTTATAAACAAATAAAACATAATTAATT	1560
TTCAGATTAAAAATAGATAGAAGTTTTAATTGTTTATTATCAAATTCAATT	1620
AACATATTTATAATAGATAAAATGAATTGTAACAAATTAAATGATTGACCTATAGATAA	1680
GTAATTAGCCAACAACCTTTTAGTATTAAATTGATAGAAAAATTAGCTATATTGGG	1740
GGGGGGGGGGGTCAAGTTAATGAAGTTAACGTTATTGAATATATTGTAAAAAAAGAT	1800
AAAGGGTTAAGGTCTAATAGAGATAATATTAAAGGACTTAATTAAATTATTGATCTT	1860
<u>Sau3a</u>	
TACTTGTATTTTTTTGTTAGTTCTATACTTAAATTCTGTTTATTATTTTA	1920
CGCCTTAGTTCTAGCAATCTAAACTGATATAAAATAGAAGTATAACGACTAAACAT	1980
AAAAAAAAAAATTGTATAAAAATAAGCATATAGCTTCATTCATATATAAGAACTAA	2040
ACTGAAATACCACTGTAAGTATAAGAACTAATCGATAAATTAGCCAAATTAGGGTACA	2100

FIG. 3B

TATTATTTAAGAAAATTAGGCCGGTATATATTTAAAAAGGACTATACACTATGTG 2160
 ACGATAGAAATAATAGGTATGTAGATGTATGTTAAGTATTTCTAATGTGTTTTACTT 2220
 TCTCTATCACACTGTTATTTCTCACTATTTTTCTCTGTTCTGTTATTCAC 2280
 TCTAAAACTGGAGTAAATATGTTATGACTACAACACATTTGACATGACTTAGGATTAAC 2340
 ATATATTATGATAAAATAACTAAAGATTGATAACCTTGATAGAAGCTTCATGTCTCCT 2400
 TS ± 20 Hind3
 CTCCCTATAAGTAGTTCCCATTGTTATCACTTTCATCAGCACAAGCTAACGACATGACT 2460
 ORF1 M T
 TCTGTACTACACTCACTCCTGCTGCTCCTGCTGGAGTGGTGATTCTCACCACTCCA 2520
 S V L H Y S L L L L L G V V I L T T P
 GTGCTAGCTAATTGAAGCCACGCTTCTTCTATGAGCCTCCTCCAATTGAGAAACCCCC 2580
 V L A N L K P R F F Y E P P P I E K P P
 ORF2 M S L L Q L R N P P
 ACCTATGAACCTCACCATTATAAGCCCCATACTACCCACCACCAAGTGCACCACCT 2640
 T Y E P P F Y K P P Y Y P P P V H H P
 P M N L H H F I S P H T T T H H Q C T T L
 CCACCAGAGTACCAACCACCCATGAAAAAACACCACCTGAGTATCTACCTCCTCAT 2700
 P P E Y Q P P H E K T P P E Y L P P P H
 H Q S T N H P M K K H H L S I Y L L L M
 GAGAAACCACCAACCAAGAATACCTACCTCCTCATGAGAAACCGCCACCAGAACCT 2760
 E K P P P E Y L P P H E K P P P E Y Q P
 R N H H Q N T Y L L M R N R H Q N T N L
 CCTCATGAGAAACCACCCATGAGAATCCACCACCGGAGCACCAACCACCTCATGAGAAG 2820
 P H E K P P H E N P P P E H Q P P P H E K
 L M R N H P M R I H H R S T N H L M R S
 CCACCAGAGCACCAACCACCTCATGAGAAGCCACCACCAAGAGTATGAACCACCTCATGAG 2880
 P P E H Q P P H E K P P P E Y E P P H E
 H Q S T N H L M R S H H Q S M N H L M R
 AAACCACCAACCAAGAACCAACCACCTCATGAGAACGCCACCACCAAGAACCT 2940
 K P P P E Y Q P P H E K P P P E Y Q P P
 N H H Q N T N H L M R S H H Q N T N H L
 CATGAGAAACCACCAACCAAGAACCAACCACCTCATGAGAACGCCACCACCAAGACCAA 3000
 H E K P P P E Y Q P P H E K P P P E H Q
 M R N H H Q N T N H L M R S H H Q S T N

FIG. 3C

CCACCTCATGAGAAGCCACCAGAGCACCCAGCACCTCATGAGAAGCCACCAGAGTAT	3060
P P H E K P P E H Q P P H E K P P P E Y	
H L M R S H Q S T S H L M R S H H Q S I	
CAACCACCTCATGAGAAACCACCAACCAAGAATACCAACCTCCTCAAGAAAAGCCACCAT	3120
Q P P H E K P P P E Y Q P P Q E K P P H	
N H L M R N H Q N T N L L K K S H H M K	
GAAAAACCGCCAGAATACCAACCTCCTCATGAAAAGCCACCAACCAAGAACACCAACCT	3180
E K P P P E Y Q P P H E K P P P E H Q P	
N H R Q N T N L L M K S H H Q N T N L P	
CCCCATGAAAAGCCACCAACCAAGTGTACCCACCCCTTATGAGAAACCACCAACAGTGTAT	3240
P H E K P P P V Y P P P Y E K P P P V Y	
M K S H H Q C T H P L M R N H H Q C M N	
GAACCCCTTATGAGAAGCCACCCAGTAGTGTATCCACCTCCTCATGAGAAACCACCC	3300
E P P Y E K P P P V V Y P P P H E K P P	
P L M R S H P Q * (SEQ ID NO:6)	
ATTTATGCCACCGCCATTGGAGAAGCCACCGGTCTACAATCCCCACCTTATGCCGC	3360
I Y E P P P L E K P P V Y N P P P Y G R	
TATCCACCATCCAAGAAAACTAATAACCACTTGCCTGCGTCACATGTTTGGTCTACTC	3420
Y P P S K K N * (SEQ ID NO:5)	
AAACTTAGACCTGCCTTGTCAATATAAGCTTCTGTTCTGTTAAGATCTCAAGTAC	3480
<u>Hind3</u>	
AATATGTCCTCTGCATGCACTACTCTTCAAAATAAGGCTTATGCCTATGTATAAT	3540
ACTCTACTTAATTCTCCTTCACCATCGATATTGTAATGTCAACTACTAGTGTGGTTT	3600
ATCTATGGCTATAATAAGTTTCTTGTGTTACTTATGAGTCTTGTAAATTGCA	3660
TGCTAAAAATTGGCAAAACATATATAATTCTGTCGTACATGTTTATTTATGAACTT	3720
CATAAGTACCGGTAAAGCAATGATAATGTGTAAAGTTGCTGGTCTATATATGTTAA	3780
ATACACATATCTCTAACCTGTCAATGAGAAATACTCTTGTACCTTGTAACT	3840
TGGGAGACTAACCTA (SEQ ID NO:4)	3856

FIG. 3D